



SEQUENCE LISTING

<110> Balo, Francis
Cao, Weiguo
Tong, Jie

<120> HIGH FIDELITY THERMOSTABLE LIGASE AND USES THEREOF

<130> 19603/2615

<140> 09/830,502

<141> 1999-10-29

<150> 60/106,461

<151> 1998-10-30

<150> PCT/US99/25437

<151> 1999-10-29

<160> 20

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 674

<212> PRT

<213> Thermus sp.

<400> 1

Met Thr Leu Glu Glu Ala Arg Arg Arg Val Asn Glu Leu Arg Asp Leu
1 5 10 15

Ile Arg Tyr His Asn Tyr Leu Tyr Tyr Val Leu Asp Ala Pro Glu Ile
20 25 30

Ser Asp Ala Glu Tyr Asp Arg Leu Leu Arg Glu Leu Lys Glu Leu Glu
35 40 45

Glu Arg Phe Pro Glu Leu Lys Ser Pro Asp Ser Pro Thr Glu Gln Val
50 55 60

Gly Ala Arg Pro Leu Glu Ala Thr Phe Arg Pro Val Arg His Pro Thr
65 70 75 80

Arg Met Tyr Ser Leu Asp Asn Ala Phe Ser Leu Asp Glu Val Arg Ala
85 90 95

Phe Glu Glu Arg Ile Glu Arg Ala Leu Gly Arg Lys Gly Pro Phe Leu

100	105	110
Tyr Thr Val Glu Arg Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr		
115	120	125
Glu Glu Gly Ile Leu Val Phe Gly Ala Thr Arg Gly Asp Gly Glu Thr		
130	135	140
Gly Glu Glu Val Thr Gln Asn Leu Leu Thr Ile Pro Thr Ile Pro Arg		
145	150	155
Arg Leu Thr Gly Val Pro Asp Arg Leu Glu Val Arg Gly Glu Val Tyr		
165	170	175
Met Pro Ile Glu Ala Phe Leu Arg Leu Asn Gln Glu Leu Glu Glu Ala		
180	185	190
Gly Glu Arg Ile Phe Lys Asn Pro Arg Asn Ala Ala Ala Gly Ser Leu		
195	200	205
Arg Gln Lys Asp Pro Arg Val Thr Ala Arg Arg Gly Leu Arg Ala Thr		
210	215	220
Phe Tyr Ala Leu Gly Leu Gly Leu Glu Glu Thr Gly Leu Lys Ser Gln		
225	230	235
His Asp Leu Leu Leu Trp Leu Arg Glu Arg Gly Phe Pro Val Glu His		
245	250	255
Gly Phe Thr Arg Ala Leu Gly Ala Glu Gly Val Glu Glu Val Tyr Gln		
260	265	270
Ala Trp Leu Lys Glu Arg Arg Lys Leu Pro Phe Glu Ala Asp Gly Val		
275	280	285
Val Val Lys Leu Asp Asp Leu Ala Leu Trp Arg Glu Leu Gly Tyr Thr		
290	295	300
Ala Arg Thr Pro Arg Phe Ala Leu Ala Tyr Lys Phe Pro Ala Glu Glu		
305	310	315
Lys Glu Thr Arg Leu Leu Ser Val Ala Phe Gln Val Gly Arg Thr Gly		
325	330	335
Arg Ile Thr Pro Val Gly Val Leu Glu Pro Val Phe Ile Glu Gly Ser		
340	345	350
Glu Val Ser Arg Val Thr Leu His Asn Glu Ser Phe Ile Glu Glu Leu		

355					360					365						
Asp	Val	Arg	Ile	Gly	Asp	Trp	Val	Leu	Val	His	Lys	Ala	Gly	Gly	Val	
370					375					380						
Ile	Pro	Glu	Val	Leu	Arg	Val	Leu	Lys	Glu	Arg	Arg	Thr	Gly	Glu	Glu	
385					390					395					400	
Lys	Pro	Ile	Ile	Trp	Pro	Glu	Asn	Cys	Pro	Glu	Cys	Gly	His	Ala	Leu	
405					410					415						
Ile	Lys	Glu	Gly	Lys	Val	His	Arg	Cys	Pro	Asn	Pro	Leu	Cys	Pro	Ala	
420					425					430						
Lys	Arg	Phe	Glu	Ala	Ile	Arg	His	Tyr	Ala	Ser	Arg	Lys	Ala	Met	Asp	
435					440					445						
Ile	Gln	Gly	Leu	Gly	Glu	Lys	Leu	Ile	Glu	Lys	Leu	Leu	Glu	Lys	Gly	
450					455					460						
Leu	Val	Arg	Asp	Val	Ala	Asp	Leu	Tyr	Arg	Leu	Lys	Lys	Glu	Asp	Leu	
465					470					475					480	
Val	Asn	Leu	Glu	Arg	Met	Gly	Glu	Lys	Ser	Ala	Glu	Asn	Leu	Leu	Arg	
485					490					495						
Gln	Ile	Glu	Glu	Ser	Lys	Gly	Arg	Gly	Leu	Glu	Arg	Leu	Leu	Tyr	Ala	
500					505					510						
Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Val	Gly	Glu	Val	Leu	Ala	Arg	Asn	Leu	Ala	Leu	
515					520					525						
Arg	Phe	Gly	His	Met	Asp	Arg	Leu	Leu	Glu	Ala	Gly	Leu	Glu	Asp	Leu	
530					535					540						
Leu	Glu	Val	Glu	Gly	Val	Gly	Glu	Leu	Thr	Ala	Arg	Ala	Ile	Leu	Asn	
545					550					555					560	
Thr	Leu	Lys	Asp	Pro	Glu	Phe	Arg	Asp	Leu	Val	Arg	Arg	Leu	Lys	Glu	
565					570					575						
Ala	Gly	Val	Glu	Met	Glu	Ala	Lys	Glu	Arg	Glu	Gly	Glu	Ala	Leu	Lys	
580					585					590						
Gly	Leu	Thr	Phe	Val	Ile	Thr	Gly	Glu	Leu	Ser	Arg	Pro	Arg	Glu	Glu	
595					600					605						
Val	Lys	Ala	Leu	Leu	Arg	Arg	Leu	Gly	Ala	Lys	Val	Thr	Asp	Ser	Val	

610

615

620

Ser Arg Lys Thr Ser Phe Leu Val Val Gly Glu Asn Pro Gly Ser Lys
 625 630 635 640

Leu Glu Lys Ala Arg Ala Leu Gly Val Pro Thr Leu Ser Glu Glu Glu
 645 650 655

Leu Tyr Arg Leu Ile Glu Glu Arg Thr Gly Lys Asp Pro Arg Ala Leu
 660 665 670

Thr Ala

<210> 2

<211> 2025

<212> DNA

<213> *Thermus* sp.

<400> 2

```

atgaccctag aggaggcccg caggcgcgctc aacgaactca gggacctgat ccgttaccac 60
aactacctct attacgtctt ggacgcccc gagatctccg acgccgagta cgaccggctc 120
cttagggagc ttaaggagct ggaggagcgc tttcccgagc tcaaaagccc cgactcccc 180
acggaacagg tgggggagag gcctctggag gccaccttcc gcccggtgcg ccaccccacc 240
cgcatgtact ccctggacaa cgccttttcc ttggacgagg tgagggcctt tgaggagcgc 300
atagagcggg ccctggggcg gaagggggccc ttcctctaca ccgtggagcg caaggtggac 360
ggtctttccg tgaacctcta ctacgaggag ggcacctcgc tctttggggc caccgggggc 420
gacggggaga ccggggagga ggtgaccag aacctcctca ccatccccac cattccccgc 480
cgcttcacgg gcgttccgga ccgcctcgag gtccggggcg aggtctacat gcccatagag 540
gccttcctca ggtcaacca ggagctggag gaggcggggg agcgcatctt caaaaacccc 600
aggaacgcgg ccgcccgggtc cttgcggcag aaagacccca gggtcacggc caggcggggc 660
ctgagggccca ccttttaagc cctggggctg ggctggagg aaaccgggtt aaaaagccag 720
cacgaccttc tcctatggct aagagagcgg ggctttcccg tggagcacgg ctttaccggg 780
gccctggggg cggagggggg gaggagggtc taccaggcct ggctcaagga gaggcggaag 840
cttccctttg aggccgacgg ggtggtggtc aagctggacg acctcgccct ctggcgaggag 900
ctgggggtaca ccgcccgcac ccccgccttc gccctcgctt acaagttccc ggccgaggag 960
aaggagaccc gcctcctctc cgtggccttc cagggtggggc ggaccgggag catcaccccc 1020
gtgggcgttc tggagcccggt cttcatagag ggcagcgagg tgagccgggt caccctccac 1080
aacgagagct tcattgagga gctggacgtg cgcacggcg actgggtgct ggtccacaag 1140
gcgggcgggg tgattcccga ggtgctgagg gtccctgaaag agcgccgcac cggggaggag 1200
aagcccatca tctggcccga gaactgcccc gagtgcggcc acgccctcat caaggagggg 1260
aaggtccacc gctgcccaca ccccttgtgc cccgccaagc gctttgaggc catccgccac 1320
tacgcctccc gcaaggccat ggacatccag ggctggggg agaagctcat agaaaagctt 1380
ctggaaaagg gcctggtccg ggacgtggcc gacctctacc gcctgaagaa ggaggacctg 1440
gtgaacctgg agcgcatggg ggagaagagc gcagagaacc tcctccgcca gatagaggag 1500
agcaagggcc gcggcctgga gcgcctcctt tacgccctgg gccttcccgg ggtgggggag 1560
gtgctggccc ggaacctggc cctccgcttc ggccacatgg accgccttct ggaggcgggc 1620

```

ctcgaggacc tcttgagggt ggagggggtg ggcgagctca ccgcccgggc catcctgaat 1680
accctaaagg acccggagtt ccgggacctg gtgcgccgcc tgaaggaggc cggggtggag 1740
atggaggcca aagagcggga gggcgaggcc ttgaaggggc tcaccttcgt catcacggg 1800
gagctttccc ggccccggga ggaggtgaag gccctcctta ggcggcttgg ggccaagggtg 1860
acggactcgg tgagccgcaa gacgagcttc ctggtggtgg gggagaacct ggggagcaag 1920
ctggaaaagg ccgcgcctt gggggtcccc accctgagcg aggaggagct ctaccgcctc 1980
attgaggaga ggacgggcaa ggaccaag ggcctcacgg cctag 2025

<210> 3

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or primer

<220>

<221> tRNA

<222> (4)

<223> w at position 4 can be T or A

<220>

<221> unsure

<222> (5)

<223> s at position 5 can be C or G

<220>

<221> unsure

<222> (12)

<223> s at position 12 can be C or G

<220>

<221> unsure

<222> (15)

<223> r at position 15 can be G or A

<220>

<221> unsure

<222> (18)

<223> y at position 18 can be T or C

<400> 3

atcwsccgacg csgartayga

20

<210> 4

<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: protein

<400> 4
Ile Ser Asp Ala Glu Tyr Asp
1 5

<210> 5
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<220>
<221> unsure
<222> (3)
<223> s at position 3 can be C or G

<220>
<221> unsure
<222> (6)
<223> s at position 6 can be C or G

<220>
<221> unsure
<222> (8)
<223> k at position 8 can be G or T

<220>
<221> unsure
<222> (9)
<223> s at position 9 can be G or C

<220>
<221> unsure
<222> (12)
<223> s at position 12 can be G or C

<220>
<221> unsure

<222> (15)
<223> y at position 15 can be C or T

<220>
<221> unsure
<222> (18)
<223> r at position 18 can be A or G

<400> 5
ccsgtscksc csacytgraa

20

<210> 6
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<220>
<221> unsure
<222> (9)
<223> v at position 9 can be C, G, or A

<220>
<221> unsure
<222> (11)
<223> r at position 11 can be A or G

<220>
<221> unsure
<222> (12)
<223> y at position 12 can be T or C

<220>
<221> unsure
<222> (16)
<223> s at position 16 is C or G

<220>
<221> unsure
<222> (17)
<223> w at position 17 can be A or T

<220>
<221> unsure

<222> (18)
<223> s at position 18 can be G or C

<400> 6
gccttctcva ryttgswsc

20

<210> 7
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 7
Phe Gln Val Gly Arg Thr Gly
1 5

<210> 8
<211> 7
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 8
Gly Ser Lys Leu Glu Lys Ala
1 5

<210> 9
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 9
gcgatttcat atgaccctag aggaggcccg

30

<210> 10
<211> 29
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 10
gcgggatccg aggccttgga gaagctctt

29

<210> 11
<211> 33
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 11
aaaaccctgt tccagcgtct gcggtgttgc gtc

33

<210> 12
<211> 30
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 12
agttgtcata gtttgatcct ctagtctggg

30

<210> 13
<211> 29
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 13
ccctgttcca gcgtctgcgg tgttgcgtt

29

<210> 14
<211> 59
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: probe or
primer

<400> 14
gggacaaggt cgcagacgcc acaacgcagt caacagtatc aaactaggag atcagaccc 59

<210> 15
<211> 184
<212> PRT
<213> Thermus aquaticus

<220>
<221> UNSURE
<222> (18)..(120)
<223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
<221> UNSURE
<222> (126)..(172)
<223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 15
Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Thr Gly Xaa Xaa Xaa
115 120 125
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
130 135 140
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
145 150 155 160
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala
165 170 175
Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180

<210> 16
<211> 187
<212> PRT
<213> Thermus flavus

<220>
<221> UNSURE
<222> (18)..(120)
<223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
<221> UNSURE
<222> (129)..(175)
<223> Xaa at positions 129-175 is any amino acid

<400> 16
Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

50		55		60
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa				
65		70		75
				80
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa				
	85		90	95
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa				
	100		105	110
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa				
	115		120	125
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa				
	130		135	140
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa				
	145		150	155
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa				
	165		170	175
Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa				
	180		185	

<210> 17
 <211> 184
 <212> PRT
 <213> Thermus filiformis

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (18)..(120)
 <223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (126)..(172)
 <223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 17
 Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
 1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 20 25 30

Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	35	40	45	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	50	55	60	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	65	70	75	80
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	85	90	95	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	100	105	110	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Leu	Glu	Glu	Ser	Gly	Xaa	Xaa	Xaa	115	120	125	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	130	135	140	
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	145	150	155	160
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Pro	Phe	Glu	Ala	165	170	175	
Asp	Gly	Val	Val	Val	Lys	Met	Asp									180			

<210> 18
 <211> 184
 <212> PRT
 <213> Thermus filiformis

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (18)..(120)
 <223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (126)..(172)
 <223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 18

Tyr	Thr	Val	Glu	His	Lys	Val	Asp	Gly	Leu	Ser	Val	Asn	Leu	Tyr	Tyr
1				5					10					15	
Glu	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
			20					25					30		
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
		35					40					45			
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
	50					55					60				
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
65					70					75					80
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
			85					90					95		
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
		100						105					110		
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Leu	Glu	Glu	Ser	Gly	Xaa	Xaa	Xaa
	115						120					125			
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
	130					135					140				
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa
145					150					155					160
Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Pro	Phe	Glu	Ala
			165					170						175	
Asp	Gly	Val	Val	Val	Lys	Leu	Asp								
			180												

<210> 19
 <211> 184
 <212> PRT
 <213> Thermus sp.

 <220>
 <221> UNSURE
 <222> (18)..(120)
 <223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

 <220>

<221> UNSURE

<222> (126)..(172)

<223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 19

Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
1 5 10 15

Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
65 70 75 80

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
85 90 95

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
100 105 110

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Glu Glu Ser Gly Xaa Xaa Xaa
115 120 125

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
130 135 140

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
145 150 155 160

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Pro Phe Glu Ala
165 170 175

Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
180

<210> 20

<211> 184

<212> PRT

<213> Thermus sp.

<220>

<221> UNSURE
 <222> (18)..(120)
 <223> Xaa at positions 18-120 is any amino acid

<220>
 <221> UNSURE
 <222> (126)..(172)
 <223> Xaa at positions 126-172 is any amino acid

<400> 20
 Tyr Thr Val Glu His Lys Val Asp Gly Leu Ser Val Asn Leu Tyr Tyr
 1 5 10 15

 Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 20 25 30

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 35 40 45

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 50 55 60

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 65 70 75 80

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 85 90 95

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 100 105 110

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 115 120 125

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 130 135 140

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 145 150 155 160

 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 165 170 175

 Asp Gly Val Val Val Lys Leu Asp
 180